

RESUMOS DE PESQUISA 90

RESUMOS DE PESQUISA

ANOTAÇÃO DE SEQUÊNCIAS NUCLEOTÍDICAS E CARACTERIZAÇÃO DE EXPRESSÃO DIFERENCIAL EM ESPÉCIES DE PEIXES NATIVOS.....	91
SELEÇÃO SISTEMÁTICA DE GENES DE REFERÊNCIA PARA ESTUDOS DE EXPRESSÃO GÊNICA EM INDIVÍDUOS COM ATROFIA MUSCULAR	92

Pesquisa (ENAPI)

UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE

Ciências Biológicas

Poster

Genética

ANOTAÇÃO DE SEQUÊNCIAS NUCLEOTÍDICAS E CARACTERIZAÇÃO DE EXPRESSÃO DIFERENCIAL EM ESPÉCIES DE PEIXES NATIVOS

JHULYA ZANFOLIN ANDRADE

EDSON ASSUNÇÃO MARECO

As espécies *Colossoma macropomum* (tambaqui) e *Piaractus mesopotamicus* (pacu) possuem grande aceitação no mercado consumidor. Embora estas espécies apresentem grande semelhança, há grandes variações em termos de melhor adaptação a temperatura de cultivo e taxa de crescimento. O tambaqui apresenta uma maior taxa de crescimento e o pacu que apresenta uma maior adaptação a temperaturas mais baixas. No entanto, considerando os indivíduos originados à partir da hibridização entre estas duas espécies, o tambacu, apresenta características que sobrepõem às observadas em seus parentais. Como ambos os genótipos possuem poucas informações genéticas, a realização de pesquisas relacionadas com a identificação das sequências nucleotídicas (transcriptoma) e a caracterização dos genes que regulam o desenvolvimento e o crescimento, são extremamente necessárias. Objetivou-se identificar o perfil de expressão diferencial dos genes transcritos em cada genótipo parental (pacu e tambaqui) em relação ao híbrido (tambacu). O processo de sequenciamento foi realizado pelo Laboratório de Biologia de Musculo Estriado - LBME/UNESP (CEUA 506) e através de parceria/colaboração forneceu os dados referente aos transcriptomas de cada genótipo avaliado. Os valores de contagens de reads, foram utilizados para a identificação dos genes diferencialmente expressos, através do algoritmo DEseq. Foram considerados genes diferencialmente expressos os transcritos que apresentarem valores de $p_{adj} < 0,05$. Os resultados referente a análise de expressão diferencial demonstrou um padrão de genes em atividade para cada genótipo. Neste sentido, 3% dos transcritos foram exclusivos para o pacu, 8,4% tambaqui e 25,5% tambacu. Além disso, observamos que 25,4% dos transcritos foram expressos em ambos os genótipos. Através da anotação dos genes, pudemos identificar quais transcritos estavam sendo expressos. Neste sentido, obtivemos os valores de 11671, 37890 e 52237 para o pacu, tambaqui e tambacu respectivamente. O processo de formação de um organismo híbrido, conhecido como Heterose é um fenômeno genético que ocorre quando animais geneticamente distantes se cruzam. Neste sentido, através do cruzamento entre o pacu e tambaqui observa-se desempenho superior do pacu em relação aos parentais considerando diferentes aspectos. Nossos resultados sugerem que este maior desempenho estejam diretamente relacionados com uma maior proporção de transcritos no organismo híbrido (tambacu).

SELEÇÃO SISTEMÁTICA DE GENES DE REFERÊNCIA PARA ESTUDOS DE EXPRESSÃO GÊNICA EM INDIVÍDUOS COM ATROFIA MUSCULAR

NATHÁLIA CAETANO TAGLIATI
LEONARDO DE OLIVEIRA LOPES
EDSON ASSUNÇÃO MARECO

O músculo estriado esquelético é um tecido adaptado para executar as mais variadas funções. A perda da massa muscular conhecida como atrofia muscular promove diversas alterações funcionais. Independentemente do evento iniciador, a atrofia do músculo é caracterizada por uma diminuição da massa muscular, implicam na ativação ou desativação de diferentes vias de sinalização gênica. Técnicas como RT-qPCR buscam identificar e quantificar genes relacionados com tais vias de sinalização. No entanto, para que se tenha uma boa reprodutibilidade das análises de expressão, é necessário uma correta seleção de genes de referência. O objetivo do presente projeto de pesquisa foi de identificar sistematicamente genes de referência, utilizando de dados em larga escala (microarray). Os dados foram obtidos de banco de dados público (NCBI), através da ferramenta Geo-Omnibus. Utilizamos as informações de diferentes estudos, para identificar o perfil de expressão dos genes. Neste sentido, removemos os genes que apresentaram diferenças significativas ($p < 0,05$ e $\log_{2}FC > \pm 1,0$). A filtragem foi realizada utilizando planilha eletrônica mantendo somente os genes que não apresentaram diferença significativa. Para a identificação dos genes presente em todos os experimentos (análise de sobreposição), utilizamos a construção de gráficos de Venn. A busca no banco de dados seguindo os critérios estabelecidos possibilitou a identificação de experimentos que promoveram a atrofia muscular através de: microgravidade (GSE52056), suspensão de membro (GSE673), imobilidade (GSE37944) e Jejum (GSE77121). O processo de filtragem possibilitou a seleção dos genes que não variaram entre os tratamentos. O estudo referente a Microgravidade apresentou 15255 genes, suspensão de membro, imobilidade e jejum, apresentaram os valores de 3352, 840, 542 genes respectivamente. A análise de sobreposição, possibilitou a identificação de 9 genes candidatos (Ednra, Efnb1, Epha7, Mcpt4, Ncs1, P2rx7, Plcg2, Ppp2r2a, Stx2). A principal dificuldade para a realização de experimentos de RT-PCR, é a seleção de genes de referência. Neste sentido, estudos em larga escala, fornece subsídios para a seleção tais genes. Em nosso estudo, consideramos genes referência, os genes que não apresentaram variação entre os projetos desenvolvidos e que participem de atividades celulares, consideradas basais. Nossas análises in silico foram eficientes na identificação de genes com padrão de expressão compartilhados em diferentes estudos
